

## طراحی واکنش زنجیره ای پلی مرارز (PCR) جهت تشخیص مولکولی باکتری هموفیلوس آنفلوانزا

صدیقه تقی نژاد<sup>1</sup>، نجم سلیمانی<sup>2\*</sup>، امیرحسین محسنی<sup>2</sup>، کیوان مجید زاده<sup>2</sup>

- (1) گروه میکروبیولوژی، دانشکده علوم پایه، دانشگاه آزاد اسلامی واحد قم
- (2) مرکز تحقیقات بیوتکنولوژی تسنیم، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی آجا

تاریخ پذیرش: 91/3/13

تاریخ دریافت: 90/5/17

### چکیده

**مقدمه:** هموفیلوس آنفلوانزا مهم ترین عامل بیماری مننژیت در نوزادان و کودکان زیر 5 سال است. از این رو تشخیص سریع این عامل ضروری است. مطالعات نشان داده است که روش های مولکولی، تست های اختصاصی برای تشخیص سریع این عامل هستند. هدف این مطالعه، طراحی روش PCR جهت تشخیص سریع باکتری هموفیلوس آنفلوانزا بود.

**مواد و روش ها:** در این مطالعه پرایمر های اختصاصی بر اساس ژن omp6 طراحی و واکنش PCR راه اندازی شد. جهت ساخت کنترل مثبت استاندارد، محصول PCR در وکتور pTZ57R/T کلون گردید. حضور ژن مورد نظر در T- وکتور به وسیله پروسه های هضم آنزیمی و توالی یابی تایید شد. حساسیت واکنش PCR، از طریق تهیه رقت های متوالی 1 به 10 از پلاسمید کنترل مثبت با غلظت اولیه 11 نانوگرم، تعیین شد. ویژگی واکنش با PCR بر روی DNA ژنومیک طیفی از باکتری ها ارزیابی شد.

**یافته های پژوهش:** نتایج PCR، باند مورد انتظار با اندازه 280 جفت بازی را نشان داد. نتایج حساسیت، مشخص کرد که کمترین حد تشخیصی واکنش 317 کپی است. هیچ گونه تکثیر پس واژه PCR کلیدی DNA هموفیلوس آنفلوانزا را تشخیص نمی دهد.

نکته: این نتیجه، واکنش PCR، با تاربا نهمه

\* نویسنده مسئول: مرکز تحقیقات بیوتکنولوژی تسنیم، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی آجا

Email: [soleimanidor@yahoo.com](mailto:soleimanidor@yahoo.com)

## مقدمه

هموفیلوس آنفلوانزا یک باکتری کوکوباسیل گرم منفی، کوچک، غیر متحرک، فاقد اسپور، هوازی-بی هوازی اختیاری و از خانواده پاستورلاسه است. هموفیلوس آنفلوانزا به شدت با میزبان انسانی سازگاری دارد و در غشاهای مخاطی مجاری تنفسی فوقانی انسان ها یافت می شود. پایداری این ارگانیسم ها در جمعیت انسانی وابسته به انتقال شخص به شخص است که این انتقال از طریق انتشار و پخش شدن قطرات تنفسی، تماس با نمونه های حاوی ارگانیسم و حتی از طریق کانال زایمان اتفاق می افتد، (1). هموفیلوس آنفلوانزا تقریباً در مجاری تنفسی فوقانی 75 درصد بچه های سالم و بالغین وجود دارد، ولی به ندرت در حفره دهانی دیده می شود. معمولاً فرم های غیرکپسوله به صورت فلور نرمال بدن هستند اما در تعداد بسیار کمی از بالغین سالم (3 تا 7 درصد) فرم کپسول دار هموفیلوس آنفلوانزا تیپ b (یعنی Hib) به طور متناوب در ناحیه فوقانی دستگاه تنفسی دیده می شود که مهم ترین و شایع ترین عامل باکترمیا و مننژیت باکتریال حاد در کودکان زیر 5 سال محسوب می شود و گاهی نیز در کودکان و بالغین ایجاد عفونت مجاری تنفسی می کند. (2)

تشخیص مننژیت باکتریایی در اکثر مواقع مشکل است چون علائم و نشانه ها خصوصاً در کودکان اغلب غیراختصاصی

هستند. از روش های تشخیص انتخابی می توان به رنگ آمیزی گرم از مایع مغزی نخاعی و کشت اشاره کرد. اگرچه رنگ آمیزی گرم از مایع نخاعی روشی سریع است، اما این روش بسیار غیراختصاصی است و از حساسیت پایینی برخوردار است و از طرفی در صورت مصرف آنتی بیوتیک ممکن است نتایج کشت از خون یا مایع مغزی نخاعی هم منفی گزارش شود. از طرف دیگر در صورت انجام کشت حدود 24 تا 36 ساعت زمان نیاز هست تا کلونی ها رشد نمایند. اخیراً از تکنیک های ایمونولوژیکی مثل آگلوتیناسیون ذره ای لاتکس و کانترایمونوالکتروفورزیس که بر اساس تشخیص آنتی ژن های باکتریایی استوار هستند، نیز در تشخیص مننژیت باکتریایی استفاده می شود. اگرچه این تکنیک ها بسیار سریع تر از کشت و رنگ آمیزی گرم هستند ولی از حساسیت و ویژگی پایینی برخوردارند. (3)

با توجه به ضرورت تشخیص و درمان سریع در مننژیت، دستیابی به آزمونی که بتواند مننژیت باکتریایی را بسیار سریع و اختصاصی شناسایی کند، بسیار مهم می باشد. مطالعات ثابت کرده است که تشخیص عوامل بیماری زا با استفاده از تکنیک های مولکولی همواره سریع تر، اختصاصی تر و حساس تر از روش های کلاسیک است. یکی از مهم ترین این تکنیک ها واکنش زنجیره ای پلی مرز (PCR) است. این روش هم از حساسیت و ویژگی بالاتری برخوردار است و هم درمان های قبلی با آنتی بیوتیک

اندازی نشده است. از این رو در این مطالعه یک تکنیک PCR استاندارد جهت تشخیص سریع و اختصاصی باکتری هموفیلوس آنفلونزا راه اندازی شد.

#### مواد و روش ها

تهیه ژنوم باکتری در این مطالعه ژنوم تایید شده باکتری هموفیلوس آنفلونزا (ATCC-33533) از انیستیتو پاستور ایران تهیه و به عنوان کنترل مثبت استفاده شد. از سویی جهت تعیین ویژگی واکنش PCR برای ژن omp6، ژنوم تعدادی باکتری با استفاده از پرایمرهای اختصاصی ژن omp6، به عنوان کنترل منفی، مورد تکثیر قرار گرفت. ژنوم این باکتری ها از انستیتو پاستور ایران تهیه و در این مطالعه مورد استفاده قرار گرفت. (جدول شماره 1)

طراحی پرایمر ژن هدف گذاری شده جهت تشخیص باکتری هموفیلوس آنفلونزا، ژن omp6 بود. جهت طراحی پرایمر، ترادف های ثبت شده این ژن (33 ترادف)، از سایت National Center For Biotechnology Information (NCBI) گرفته شد. تمامی 33 سکانس دریافتی وارد نرم افزار CLC Sequence viewer (Version 6.4) گشت. پس از ترازبندی ترادف های اخذ شده، نقاط حفاظت شده مشخص و طراحی پرایمر بر اساس این نقاط با استفاده از نرم افزار Gene Runner (version 3.05) انجام شد. جهت اطمینان از اختصاصی بودن پرایمرهای طراحی شده از سرویس های

روی نتایج این تست تأثیری ندارد، (4،5). از این رو در طی سالیان اخیر مطالعات مختلفی در تشخیص ملکولی این عامل باکتریایی با استفاده از تکنیک PCR انجام شده است. کتل و همکاران (1990) از تکنیک PCR برای تشخیص باکتری هموفیلوس آنفلونزا در مایع مغزی-نخاعی استفاده کردند، (6). یاداو و همکاران نیز در سال 2003 برای تشخیص سریع باکتری هموفیلوس آنفلونزا از تکنیک PCR استفاده کردند، (7). فایلس و همکاران، جهت تشخیص هم زمان عوامل مننژیت باکتریایی (هموفیلوس آنفلونزا، نایسریا مننژیتیدیس و استرپتوکوکوس نیومونیه) در سال 2005 تکنیک PCR را به کار بردند، (8). در ایران در سال 1386، سعادت و همکاران تکنیک Multiplex PCR را برای تشخیص این باکتری بر اساس ژن lic1 راه اندازی کردند، (9). عطایی و همکاران نیز در سال 1388 از ژن های 16srRNA و bexA جهت تشخیص باکتری هموفیلوس آنفلونزا در تکنیک Multiplex PCR استفاده نمودند، (10). ولی با این وجود تاکنون هیچ تکنیک استاندارد برای تشخیص مولکولی این باکتری در ایران راه

درجه سانتی گراد به مدت 1 دقیقه، مرحله اتصال در 66/6 درجه سانتی گراد به مدت یک دقیقه، تکثیر با دمای 72 درجه به مدت یک دقیقه و در 72 درجه به مدت 10 دقیقه، (11). پس از اتمام واکنش تکثیر، 5 میکرولیتر محصول واکنش به همراه یک میکرولیتر بافر لودینگ بر روی ژل آگارز یک درصد تحت تاثیر ولتاژ 100 الکتروفورز گردید. هم چنین یک واکنش 25 میکرولیتری با شرایط مشابه و استفاده از آب دیونیزه به جای ژنوم باکتری به عنوان کنترل منفی انجام شد. کلونینگ ژن *ompp6* و تهیه کنترل مثبت

به منظور ساخت کنترل مثبت از کلونینگ محصول PCR ژن *ompp6* استفاده شد. پس از تکثیر ژن هدف، محصول آن با استفاده از کیت استخراج از ژل (شرکت Core Bio، کشور کره جنوبی) استخراج و خالص سازی گردید. اتصال قطعه مورد نظر به تی-وکتور pTZ57R/T مطابق با روش پیشنهادی شرکت سازنده (شرکت Fermentas، کشور لیتوانی) انجام شد. پس از تهیه سلول های پذیرا باکتری *E.coli* JM107،

ترانسفورماسیون انجام و باکتری های ترانسفورم شده روی محیط (Luria-Bertani agar) LB (شرکت Merk، کشور آلمان) حاوی ایسوزوپروپیل بتا دی تیوگالاکتو

#### Primer BLAST و Nucleotide BLAST

سایت NCBI استفاده شد. جهت بررسی خصوصیات

ترمودینامیکی پرایمرها، از نرم افزار Gene Runner (version 3.05) استفاده شد. سنتز پرایمرها توسط شرکت سیناژن انجام شد.

سکانس پرایمر جلووی به صورت

5'GTGCTGCTCAAACCTTTTGGCGG 3' و سکانس

پرایمر عقبی به صورت

5'CCTAATTTACCAGCATCAACACCTT 3' TACC بود. این پرایمرها

قادر به تکثیر یک قطعه 280 جفت باز در ژن *ompp6* باکتری هموفیلوس آنفلوانزا بودند.

راه اندازی تکنیک *Polymerase Chain Reaction*

واکنش PCR برای تکثیر ژن *ompp6* با استفاده از

پرایمرهای اختصاصی و ژنوم باکتری هموفیلوس

آنفلوانزا انجام شد. برای انجام این واکنش، ابتدا یک

مخلوط واکنش دارای 1/5 میلی مولار

MgCl<sub>2</sub>، 0/2 میلی مولار dNTPs و بافر PCR تهیه

شد. واکنش PCR در حجم 25 میکرولیتر با مخلوط واکنش

فوق به همراه یک واحد آنزیم Taq DNA

Polymerase (شرکت کوثر، ایران)، 0/4 میکرومولار از

هر یک از پرایمرها و 85 نانوگرم از ژنوم باکتری

هموفیلوس آنفلوانزا انجام شد. برنامه PCR شامل مراحل

زیر بود: یک مرحله واسرشت اولیه در 95 درجه سانتی گراد

به مدت 5 دقیقه، 40 چرخه تکثیر DNA با شرایط واسرشت در 95

وکـتـور می شد). برای  
تایید  
نمونه‌هایی پلاسمید  
نو ترکیب (pTZ57R/T-ompp6)،  
ترادف ژن کلون شده با  
استفاده از روش Cycle  
sequencing و به کمک  
پرایمرهای یونیورسال  
M13 تعیین توالی گردید.

تعیین حد تشخیص واکنش PCR  
ابتدا غلظت پلاسمید تایید  
شده در مرحله قبل (pTZ57R/T-  
ompp6) با استفاده از روش  
تعیین جذب نوری توسط دستگاه  
اسپکتروفتومتر (Picodrop) مشخص  
گردید، (12). سپس رقت های  
متوالی 10-8 تا 10-1 در  
حجم 100 میکرولیتر از این  
پلاسمید با غلظت اولیه 11  
نانوگرم تهیه شد. بر روی  
تمامی این رقت ها واکنش PCR  
ژن هدف انجام شد و کمترین  
رقتی از آن که باند واضحی را  
پس از PCR نشان داد به  
عنوان حد تشخیص در نظر گرفته  
شد. تعداد کپی قابل  
تشخیص طبق روش  
Chiang محاسبه گردید. (13)

تعیین ویژگی واکنش PCR  
جهت تعیین ویژگی واکنش، از  
ژنوم باکتری های کنترل منفی  
که اسامی آن ها در جدول  
شماره 1 ذکر شده است  
استفاده شد. واکنش PCR  
بر روی این ژنوم ها،  
مطابق شرایط قبل انجام  
گرفت. از سویی دو واکنش  
PCR یکی با ژنوم باکتری  
هموفیلوس آنفلوانزا و  
دیگری با آب مقطر دو بار  
تقطیر به ترتیب به عنوان  
کنترل مثبت و کنترل منفی  
PCR، تهیه شد. ارزیابی  
کیفی محصولات بدست آمده، به  
واسطه الکتروفورز بر روی  
ژل آگارزیک درصد انجام شد.

پیرانوزید D-Isopropyl-[beta]-  
(Thiogalactopyranoside; IPTG) با غلظت  
38/4 میکروگرم بر میلی لیتر،  
5- برومو 4- کلرو 3- ایندولیل  
بتا دی گالاکتو پیرانوزید-X (Gal-  
بتا غلظت 40 میکروگرم بر  
میلی لیتر، نالیدیکسیک اسید  
با غلظت 50 میکروگرم بر میلی  
لیتر و آمپی سیلین با غلظت 100  
میکروگرم بر میلی لیتر کشت  
داده شد. پس از تشکیل کلونی  
ها، چند کلونی سفید و یک  
کلونی آبی (به عنوان کنترل  
منفی) از نظر دریافت  
وکتور دارای ژن ompp6 با  
روش کلونی PCR  
آزمایش شد.  
استخراج پلاسمید  
با استفاده از کیت  
AccuPrep Plasmid Mini Extraction  
Kit (شرکت Bioneer، کشور کره)،  
در مورد یک کلون مثبت  
انجام گرفت. ارزیابی کمی و  
کیفی پلاسمید استخراج  
شده با استفاده از  
تعیین جذب نوری  
در طول موج های 280-  
260 نانومتر  
اسپکتروفتومتر (Picodrop) و  
الکتروفورز روی ژل آگارزیک  
درصد انجام شد. از روش  
هضم آنزیمی برای تایید  
کلون دریافت کننده  
محصول PCR ژن ompp6  
استفاده شد. به این  
منظور، ابتدا  
سکانس  
کلونیـنگ چندگانه  
(Multiple Cloning Site; MCS) وکتور  
ارزیابی شد و بر این اساس دو  
آنزیم HindIII (شرکت Fermentas،  
کشور لیـتوانی) و  
SacI (شرکت Fermentas، کشور  
لیـتوانی) انتخاب شد، (12).  
(این واکنش آنزیمی منجر  
به خروج ژن هدف از

## یافته های پژوهش

نتیجه واکنش PCR مربوط به ژن omp6 باند مورد انتظار 280 جفت بازی را بر روی ژل آگارز نشان داد. (شکل شماره 1) پس از تهیه ماتریکس از تعدادی از کلونی های سفید رنگ، نتایج واکنش کلونی PCR تشکیل باند 280 جفت بازی ترادف هدف را نشان داد، که تاییدکننده حضور ژن هدف در کلونی های سفید رنگ بود.

در واکنش هضم آنزیمی مطابق انتظار آنزیم SacI در نوکلئوتید 25-621 وکتور و آنزیم HindIII در نوکلئوتید 94-690 وکتور، در ناحیه کلونینگ چندگانه وکتور، برش ایجاد کرد. الکتروفورز محصول هضم آنزیمی پلاسمید pTZ57R/T-omp6 بر روی ژل آگارز، مطابق با انتظار باندهای حدوداً 2800 جفت بازی (مربوط به backbone پلازمید pTZ57R/T) و حدوداً 280 جفت بازی (مربوط به محصول PCR ژن omp6) را نشان داد. (شکل شماره 2) این مطلب تاییدکننده حضور محصول PCR ژن omp6 در وکتور pTZ57R/T بود.

جهت تایید نهایی پلاسمید pTZ57R/T-omp6، پروسه توالی یابی انجام شد و نتایج حاصل از توالی یابی با توالی ثبت شده از این ژن در Gene bank (AAZE01000002) با استفاده از نرم افزار CLC

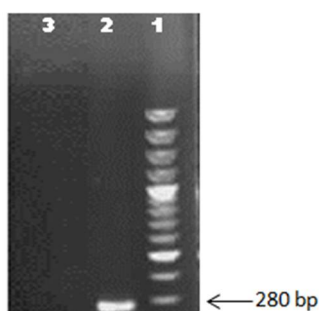
Sequence viewer (Version 6.4) ترازبندی شد. نتایج نشان داد که سکانس توالی یابی شده کاملاً با توالی های ثبت شده از این ژن در Gene Bank مطابقت دارد. به این ترتیب صحت حضور ژن در وکتور pTZ57R/T-omp6 تایید شد. آخرین باند ناشی از تکثیر ژن هدف در پلاسمید pTZ57R/T-omp6 با غلظت اولیه 11 نانوگرم، در رقت 4-10 (غلظت 1/1 پیکوگرم) مشاهده گردید. محاسبه تعداد کپی ژن هدف در این غلظت از پلاسمید، با استفاده از روش Chiang عدد 317 را نشان داد. بنا بر این روش طراحی شده در این مطالعه قادر به تشخیص حداقل تعداد 317 کپی از ژن omp6 در یک واکنش 25 مایکرولیتری می باشد. (شکل شماره 3)

هیچ گونه تکثیری با استفاده از پرایمر های اختصاصی ژن omp6 بر روی ژنوم های باکتری های کنترل منفی مشاهده نشد. این نتایج بیانگر این بود که پرایمرهای طراحی شده برای ژن omp6 کاملاً اختصاصی عمل کرده و تنها ژن omp6 هموفیلوس آنفلوانزا را تکثیر می دهند. (شکل شماره 4)

جدول شماره 1. لیست ژنوم باکتری های کنترل منفی

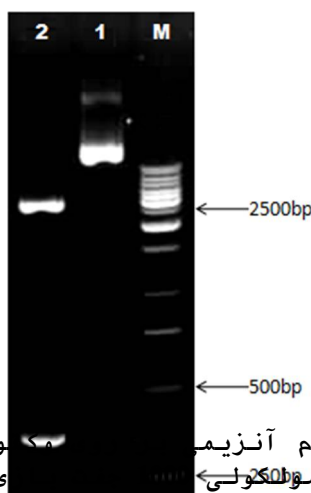
نام ارگانیسم	شماره سویه
Shigella sonnei	ATCC 9290
Klebsiella pneumoniae	ATCC 7881
Escherichia coli	ATCC 25922
Bacillus subtilis	ATCC 6051

<i>Staphylococcus aureus</i>	ATCC 25923
<i>Enterococcus faecalis</i>	ATCC 29212
<i>Salmonella Typhi</i>	ATCC 700931
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	ATCC 700669
<i>Neisseria meningitidis</i>	ATCC13060
<i>Coxiella burnetii</i>	ATCC 13032
<i>E.coli</i> O157H7	ATCC 43895
<i>E.coli</i> EPEC	ATCC 43887
<i>Yersinia enterocolitica</i>	PTCC 1480
<i>Yersinia pseudotuberculosis</i>	ATCC 29833



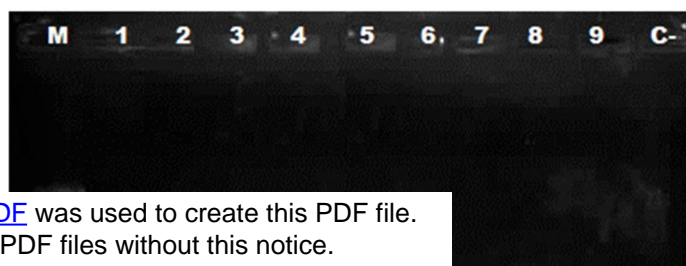
شکل شماره 1. نتایج واکنش PCR بر روی DNA ژنومیک باکتری هموفیلوس آنفلوانزا. مطابق شکل، پرایمرهای اختصاصی ژن omp6 قطع مورد انتظار 280 جفت بازی را تکثیر داده اند.

- 1: شاخص مولکولی 100 جفت بازی؛  
2: باند 280 جفت بازی مربوط به تکثیر ژن omp6؛  
3: کنترل منفی PCR



شکل شماره 2. نتیجه هضم آنزیم پلازمید pTZ57R/T-omp6. شاخص مولکولی؛

- 1: پلازمید pTZ57R/T-omp6 بریده نشده؛  
2: پلازمید pTZ57R/T-omp6 بریده شده با استفاده از آنزیم های HindIII و SacI





شکل شماره 3. نتایج مربوط به تعیین حساسیت واکنش PCR. این نتایج نشان داد که کمترین غلظت از پلاسمید pTZ57R/T-ompp6 که بعد از PCR قابل تکثیر است، غلظت 1/1 پیکوگرم است. M: شاخص مولکولی 100 جفت بازی؛ 1: محصول PCR مربوط به پلاسمید pTZ57R/T-ompp6 با غلظت اولیه 11 نانوگرم؛ 2: محصول PCR مربوط به پلاسمید با غلظت 1/1 نانوگرم؛ 3: محصول PCR مربوط به پلاسمید با غلظت 110 پیکوگرم؛ 4: محصول PCR مربوط به پلاسمید با غلظت 11 پیکوگرم؛ 5: محصول PCR مربوط به پلاسمید با غلظت 1/1 پیکوگرم؛ 6: محصول PCR مربوط به پلاسمید با غلظت 110 فمتوگرم؛ 7: محصول PCR مربوط به پلاسمید با غلظت 11 فمتوگرم؛ 8: محصول PCR مربوط به پلاسمید با غلظت 1/1 فمتوگرم؛ 9: محصول PCR مربوط به پلاسمید با غلظت 0/11 فمتوگرم؛ C- : کنترل منفی





شکل شماره 4. نتایج مربوط به تعیین ویژگی واکنش PCR، مثبت شدن PCR، بر روی DNA ژنومیک باکتری هموفیلوس آنفلوانزا و منفی شدن PCR، بر روی DNA ژنومیک سایر باکتری ها، تایید کننده ویژگی بالای واکنش PCR بود. M: شاخص مولکولی 100 جفت بازی؛

- 1: محصول PCR مربوط به پلاسمید pTZ57R/T-ompp6 با غلظت اولیه 11 نانوگرم؛
- 2: محصول PCR مربوط به DNA ژنومیک باکتری هموفیلوس آنفلوانزا؛
- 3: واکنش PCR بر روی ژنوم باکتری شیگلا سونئی؛
- 4: واکنش PCR بر روی ژنوم باکتری کلبسیلا نیومونیه؛
- 5: واکنش PCR بر روی ژنوم باکتری اشرشیاکلا؛
- 6: واکنش PCR بر روی ژنوم باکتری باسیلوس سوبتلیس؛
- 7: واکنش PCR بر روی ژنوم باکتری استاف اورئوس؛ چاه
- 8: واکنش PCR بر روی ژنوم باکتری انتروکوکوس فکالیس؛
- 9: واکنش PCR بر روی ژنوم باکتری سالمونلا تیفی؛
- 10: واکنش PCR بر روی ژنوم باکتری استرپتوکوکوس نیومونیه؛
- 11: واکنش PCR بر روی ژنوم باکتری نایسریا مننژیتیدیس؛
- 12: واکنش PCR بر روی ژنوم باکتری کوکسیلا برونئی؛
- 13: واکنش PCR بر روی ژنوم باکتری اشرشیاکلا سوش O157 H7؛
- 14: واکنش PCR بر روی ژنوم باکتری اشرشیاکلا سوش EPEC؛
- 15: واکنش PCR بر روی ژنوم باکتری یرسینیا انتروکولیتیکا؛
- 16: واکنش PCR بر روی ژنوم باکتری یرسینیا سودوتوبرکلوزیس؛
- 17: کنترل منفی

## بحث و نتیجه گیری

از ویژگی های مهم استفاده از تکنیک های مولکولی در تشخیص عوامل عفونی، سرعت، حساسیت و ویژگی بالای آن ها است. به همین دلیل استفاده از تکنیک های مولکولی برای تشخیص بیماری ها در دهه گذشته رواج زیادی پیدا کرده است، (14). با توجه به این که مشکلات مختلفی در تشخیص میکروبی باکتری هموفیلوس آنفلوانزا وجود دارد، تشخیص مولکولی آن بسیار حائز اهمیت است، (3). از این رو در مطالعه حاضر، برای اولین بار در ایران یک تکنیک PCR

استاندارد با توسعه کنترل مثبت استاندارد

و ارزیابی حساسیت و ویژگی آنالیتیک این روش جهت تشخیص سریع و اختصاصی باکتری هموفیلوس آنفلوانزا راه اندازی گردید.

یکی از مهم ترین اجزای تست های تشخیصی، نمونه کنترل مثبت است. از جمله نمونه های کنترلی که در گذشته به عنوان نمونه کنترل مثبت در تست های تشخیصی جهت تشخیص عامل بیماری از استفاده می شد، DNA ژنومیک بود. DNA ژنومیک به دلیل سائز بالا، به تغییرات دمای محیط

بسیار حساس بوده و ممکن است که قبل از استفاده از آن به عنوان کنترل مثبت تخریب گردد و در نتیجه پس از انجام PCR منجر به ایجاد نتایج منفی کاذب گردد. در این مطالعه برای غلبه بر این محدودیت و جهت پایداری بیشتر قطعه تشخیصی، پس از تکثیر ژن omp6 با استفاده از پرایمرهای طراحی شده، محصول PCR این ژن در پلاسمید pTZ57R/T کلون گردید و از آن به عنوان کنترل مثبت استاندارد در تست استفاده شد.

یکی از مسائل بسیار مهم در تشخیص مولکولی یک عامل بیماری زاء، تعیین حد تشخیص (حساسیت) روش است. محققین از روش های مختلفی برای تعیین حد تشخیص استفاده می کنند. در اکثر مطالعات در مورد باکتری هموفیلوس آنفلوانزا برای تعیین حد تشخیص از روش تعیین واحدهای کلونی ساز (Colony Forming Unit) استفاده شده است. سعادتی و همکاران از همین روش جهت تعیین حساسیت واکنش PCR استفاده نمودند. به این صورت که پس از کشت باکتری و اندازه گیری میزان جذب نوری محیط کشت، از محیط مورد نظر تا 10-10 رقت تهیه و برای تمامی رقت ها واکنش PCR انجام شد. سپس جهت محاسبه تعداد باکتری در هر رقت فرایند شمارش کلونی را انجام دادند، که تعداد 15000 کلونی باکتری در هر میلی لیتر به عنوان حد تشخیص باکتری هموفیلوس آنفلوانزا تعیین شد، (9).

مهم ترین نقطه ضعف این روش نیازمندی به باکتری زنده است.

در روش دیگر تعیین حساسیت واکنش از DNA ژنومیک استفاده می شود. کتل و همکاران (1990) برای تعیین میزان حساسیت روش PCR، ابتدا از DNA ژنومیک هموفیلوس آنفلوانزا رقت تهیه نمودند و سپس با انجام PCR بر روی این رقت ها، حد تشخیص این روش را 10 پیکوگرم به دست آوردند، این میزان برابر با 5 کلونی باکتری بود، (6). از سویی توریگو و همکاران در سال 2007 جهت بررسی حساسیت مطالعه شان مشابه کتل از DNA ژنومیک جهت تعیین حد تشخیص روش شان عمل کردند. (4)

در سال 2007 نیز، بیلال و همکاران حد تشخیص روش multiplex PCR با استفاده از DNA ژنومیک برای شناسایی هموفیلوس آنفلوانزا را 2 پیکوگرم به دست آوردند، (15). هم چنین آبدلیم و همکاران (2009) با تهیه رقت سریال از DNA ژنومیک هموفیلوس آنفلوانزا قادر به تشخیص 3 تا از 30 کپی ژنوم در هر واکنش از PCR شدند، (16). از محدودیت های استفاده از DNA ژنومیک در تعیین LOD واکنش این است که با توجه به ناپایدار و شکننده بودن DNA ژنومیک ممکن است با تهیه رقت سریال از آن کاهش یکنواخت تعداد ژن هدف صورت نگیرد، (17). از این رو در تحقیق حاضر جهت تعیین حساسیت واکنش PCR، از

پلازمید کنترل مثبت ساخته شده استفاده گردید و حساسیت واکنش PCR با تهیه سریال از این پلازمید تعیین گردید. در این مطالعه LOD واکنش PCR برابر با 317 کپی در یک واکنش 25 ماکرولیتتری PCR به دست آمد. مقایسه و بررسی میزان حساسیت در این روش با روش های مورد استفاده در مطالعات مختلف مشخص نمود که پرایمرهای طراحی شده نسبت به پرایمرهای طراحی شده در سایر مطالعات از حساسیت بسیار بالاتری برخوردار هستند.

در این مطالعه برای انتخاب ژن و طراحی پرایمر مقالات متعددی مورد بررسی قرار گرفت. کتل و همکاران برای تشخیص هموفیلوس آنفلوانزا در مایع مغزی نخاعی از روش PCR استفاده کردند. در این پروسه دو جفت پرایمر بر اساس ژن های *bexA* (ژن کدکننده پلی ساکارید کپسولی) و *ompp6* (ژن کدکننده پروتئین غشای خارجی P6) طراحی گردید. نتایج حاکی از آن بود که دو جفت پرایمر طراحی شده برای تشخیص این باکتری بسیار مناسب هستند، (6). بیلال و همکاران در سال 2007 بر روی ژن های *ompp6*، *bexA*، ژن کدکننده بتالاکتاماز (*tem*)، ژن کدکننده کپسول تیپ b هموفیلوس آنفلوانزا (Cpbs) با روش مالتیپلکس PCR کار نمودند و اعلام کردند که روش مالتیپلکس با استفاده از این 4 ژن، روش بسیار مناسبی جهت تشخیص سریع سویه های غیرقابل طبقه بندی و سروتایپ b هموفیلوس آنفلوانزا در ترشحات مجاری تنفسی

فوقانی است، (15). توریگو و همکاران از پرایمرهای ژن *ompp6* برای شناسایی قطعی هموفیلوس آنفلوانزا استفاده نمودند، (4). آبدلیم و همکاران (2009)، نحوه شناسایی هموفیلوس آنفلوانزا را در ترشحات تنفسی مورد بررسی قرار دادند. آن ها در مطالعه خود از 4 ژن *ompp6*، *bexA*، *16SrRNA*، *rnpb* استفاده کردند. نتایج این تحقیق و تحقیقات مشابه مشخص نمود که چنانچه PCR بر اساس ژن *bexA* انجام شود، تنها سروتایپ های کپسول دار این باکتری تشخیص داده می شود، اما ژن *ompp6* بسیار اختصاصی تر از ژن های *rnpb* و *16SrRNA* می باشد، (20-16، 18). به طوری که این ژن در تمام سویه های کپسول دار و غیر کپسوله هموفیلوس آنفلوانزا به صورت حفاظت شده وجود دارد و قادر به ایجاد تمایز بین سویه های بیماری زا و کومنسال هموفیلوس آنفلوانزا است، (21، 6-27). نتایج آنان نشان داد که از بین 4 ژن ذکر شده، ژن *ompp6* بهترین ژن هدف جهت تشخیص هموفیلوس آنفلوانزا می باشد. (28-30) در این مطالعه اختصاصیت ژن *ompp6* جهت تشخیص اختصاصی باکتری هموفیلوس آنفلوانزا در طی مطالعات بیوانفورماتیکی با استفاده از نرم افزار آنالین Primer BLAST سایت NCBI مورد ارزیابی قرار گرفت. در این بررسی محصول تکثیری پرایمرهای استفاده شده در این مطالعه با محصول تکثیری پرایمرهای استفاده شده در سایر

مقالات مورد بررسی قرار گرفت و با یکدیگر مقایسه گردید. نتایج این بررسی نشان داد که پرایمرهای طراحی شده در این مقالات علاوه بر تکثیر در باکتری هموفیلوس آنفلوانزا، قادر به تکثیر در 4 باکتری هموفیلوس همولیتیکوس، هموفیلوس پارا آنفلوانزا، هموفیلوس سومنوس و آوی باکتریوم پاراگالیناروم مشابه با باکتری هموفیلوس آنفلوانزا، بودند، (4،6). در حالی که پرایمرهای طراحی شده در این مطالعه علاوه بر تشخیص هموفیلوس آنفلوانزا، تنها قادر به تکثیر یک قطعه 280 جفت بازی در باکتری هموفیلوس همولیتیکوس بودند. با توجه به این که این باکتری شاخص ترین باکتری همولیتیک است که به طور طبیعی در مجاری تنفسی فوقانی وجود دارد و با عفونت های نادر با شدت متوسط در مجاری تنفسی فوقانی در سنین کودکی مرتبط است، ورود این ارگانیسم به CSF بسیار نادر است، (31). به عبارتی استفاده از پرایمرهای طراحی شده در این مطالعه جهت تشخیص باکتری هموفیلوس آنفلوانزا، هیچ گونه خللی را در شناسایی این باکتری ایجاد نخواهد کرد. نتایج این بررسی نشان داد که پرایمرهای طراحی شده در مطالعه حاضر نسبت به پرایمرهای سایر مقالات، از ویژگی بسیار بالاتری برای ژن omp6 باکتری هموفیلوس آنفلوانزا برخوردار است. در مطالعه حاضر، برای تعیین ویژگی واکنش PCR

برای ژن omp6 باکتری هموفیلوس آنفلوانزا مطابق جدول شماره 1 از ژنوم دو باکتری مهم دیگر مولد مننژیت در CSF (اسـتـرپ نیومونیـه و نایسریا مننژیتیدیس) استفاده شد. نتایج این بررسی نشان داد که پرایمرهای طراحی شده برای باکتری هموفیلوس آنفلوانزا کاملاً اختصاصی عمل کرده و قادر به تشخیص و افتراق این باکتری از سایر باکتری های مولد مننژیت در CSF هستند. این مطالعه نشان داد که PCR ژن omp6 باکتری هموفیلوس آنفلوانزا روشی با حساسیت و ویژگی آنالیتیک بالا است و ظرفیت بالایی برای استفاده به عنوان ابزاری در تشخیص سریع مننژیت ناشی از این باکتری به ویژه در موارد مصرف آنتی بیوتیک توسط بیمار را دارد، از طرفی با توجه به مزیت های این روش، به کارگیری آن پس از انجام معاینات بالینی لازم برای تشخیص بیماری و تسریع در شناسایی در آزمایشگاه های تشخیصی مفید و سودمند خواهد بود.

#### سپاسگزاری

مطالعه حاضر حاصل بخشی از طرح تحقیقاتی است که با حمایت مالی دانشگاه علوم پزشکی ارتش به انجام رسیده است. بدین وسیله از تمامی مسئولان و همکاران در دانشگاه علوم پزشکی ارتش و مرکز تحقیقات بیوتکنولوژی تسنیم که در انجام این تحقیق ما را یاری نمودند، تشکر می نمایم.

## References

- 1-Hirschmann J, Everett ED. Haemophilus influenzae infections in adults: report of nine cases and a review of the literature. *Medicine(Baltimore)* 1979;58:80-94.
- 2-Maaroufi Y, De Bruyne JM, Heymans C, Crokaert F. Real-time PCR for determining capsular serotypes of Haemophilus influenzae. *J Clin Microbiol* 2007;45:2305-30.
- 3-Rafi W, Chandramuki A, Mani R, Satishchandra P, Shankar SK. Rapid diagnosis of acute bacterial meningitis: role of a broad range 16S rRNA polymerase chain reaction. *J Emerg Med* 2010;38:225-30.
- 4-Torigoe H, Seki M, Yamashita Y, Sugaya A, Maeno M. Detection of Haemophilus influenzae by loop-mediated isothermal amplification (LAMP) of the outer membrane protein P6 gene. *Jpn J Infect Dis* 2007;60:55-8.
- 5-Uzuka R, Kawashima H, Hasegawa D, Ioi H, Amaha M, Kashiwagi Y, et al. Rapid diagnosis of bacterial meningitis by using multiplex PCR and real time PCR. *Pediatr Int* 2004;46:551-4.
- 6-Van Ketel R, De Wever B, Van Alphen L. Detection of Haemophilus influenzae in cerebrospinal fluids by polymerase chain reaction DNA amplification. *J Med Microbiol* 1990;33:271-6.
- 7-Yadav M, Chakraborti A, Ray P, Sapru S, Majumdar S, Narang A. Rapid detection of Haemophilus influenzae by hel gene polymerase chain reaction. *Lett Appl Microbiol* 2003;37:190-5.
- 8-Failace L, Wagner M, Chesky M, Scalco R, Jobim LF. Simultaneous detection of Neisseria meningitidis, Haemophilus influenzae and Streptococcus sp. by polymerase chain reaction for the diagnosis of bacterial meningitis. *Arq Neuropsiquiatr* 2005;63:920-4.
- 9-Saadati M, Nazarian S, Barati B, Mehdizadeh H. Detection of Streptococcus pneumoniae and Haemophilus influenzae by Multiplex polymerase chain reaction(mPCR) assay. *Iran biol J* 2008;21:83-93.(Persian)
- 10-Ataee R, Mahrabi Tavana A, Hossaini SMJ, Karami A, Safiri Z, Allahverdi M. Simultaneous detection of common bacterial meningitis: Neisseria meningitidis, Haemophilus influenzae and Streptococcus pneumoniae by multiplex PCR. *Kowsar Med J* 2009;14:119-26.(Persian)
- 11-Pelt-Verkuil E, Belkum A, Hays JP, editors. Principles and technical aspects of PCR amplification. New Mexico: Springer; 2008.P.19.
- 12-Sambrook J, Fritsch E.F, Maniatis T. Molecular cloning: a laboratory manual. 2<sup>nd</sup> ed. Plainview: Cold Spring Harbor Laboratory Press 2001;chapter 1.PP.32,123.
- 13-Chiang YC, Yang CY, Li C, Ho YC, Lin CK, Tsen HY. Identification of Bacillus spp., Escherichia coli, Salmonella spp., Staphylococcus spp. and Vibrio spp. with 16S ribosomal DNA-based oligonucleotide array hybridization. *Int J Food Microbiol* 2006;107:131-7.
- 14-Tzanakaki G, Tsolia M, Vlachou V, Theodoridou M, Pangalis A, Foustoukou M, et al. Evaluation of non culture diagnosis of invasive meningococcal disease by polymerase chain reaction (PCR). *FE-MS Immunol Med Microbiol* 2003;39:31-6.
- 15-Billal DS, Hotomi M, Suzumoto M, Yamauchi K, Kobayashi I, Fujihara K, et al. Rapid identification of nontypeable and serotype b Haemophilus influenzae from nasopharyngeal secretions by the multiplex PCR. *Int J Pediatr Otorhinolaryngol* 2007;71:269-74.
- 16-Abdeldaim GMK, Strålin K, Kirsebom LA, Olcén P, Blomberg J, Herrmann B. Detection of Haemophilus influenzae in respiratory secretions from pneumonia patients by quantitative real-time polymerase chain reaction. *Diagn Microbiol Infect Dis* 2009;64:366-73.
- 17-Soleimani M, Eini F, Raufi MF, Azari F, Farzampour S, Jamshidian E, et al. Design of Multiplex Polymerase Chain Reaction (PCR) Method for Molecular Detection of Yersinia pestis Bacterium. *Yakhteh Med J* 2010;12:363-70.(Persian)
- 18-Karlsson E, Melhus A. Nontypeable Haemophilus influenzae strains with the capsule associated insertion element IS1016 may mimic encapsulated strains. *Apmis* 2006;114:633-40.
- 19-Sam IC, Smith M. Failure to detect capsule gene bexA in Haemophilus influenzae types e and f by real-time PCR due to sequence variation within probe



- binding sites. *J Med Microbiol* 2005;54: 453-5.
- 20-Corless CE, Guiver M, Borrow R, Edwards-Jones V, Fox A, Kaczmarek E. Simultaneous detection of *Neisseria meningitidis*, *Haemophilus influenzae*, and *Streptococcus pneumoniae* in suspected cases of meningitis and septicemia using real-time PCR. *J Clin Microbiol* 2001;39: 1553-8.
- 21-Strålin K, Bäckman A, Holmberg H, Fredlund H, Olcén P. Design of a multiplex PCR for *Streptococcus pneumoniae*, *Haemophilus influenzae*, *Mycoplasma pneumoniae* and *Chlamydia pneumoniae* to be used on sputum samples. *Apmis* 2005;113: 99-111.
- 22-Murphy T, Bartos L, Campagnari A, Nelson M, Apicella M. Antigenic characterization of the P6 protein of nontypable *Haemophilus influenzae*. *Infect Immun* 1986;54:774-9.
- 23-Nelson MB, Munson RS Jr, Apicella MA, Sikkema DJ, Molleston JP, Murphy TF. Molecular conservation of the P6 outer membrane protein among strains of *Haemophilus influenzae*: analysis of antigenic determinants, gene sequences, and restriction fragment length polymorphisms. *Infect Immun* 1991;59:2658-63.
- 24-Hotomi M, Tabata T, Kakiuchi H, Kunimoto M. Detection of *Haemophilus influenzae* in middle ear of otitis media with effusion by polymerase chain reaction. *Int J Pediatr Otorhinolaryngol* 1993;27:119-26.
- 25-Karalus RJ, Murphy TF. Purification and characterization of outer membrane protein P6, a vaccine antigen of non typeable *Haemophilus influenzae*. *FEMS Immunol Med Microbiol* 1999;26:159-66.
- 26-Nelson M, Apicella M, Murphy T, Vankeulen H, Spotila L, Rekosh D. Cloning and sequencing of *Haemophilus influenzae* outer membrane protein P6. *Infect Immun* 1988;56:128-34.
- 27-Ueyama T, Kurono Y, Shirabe K, Takeshita M, Mogi G. High incidence of *Haemophilus influenzae* in nasopharyngeal secretions and middle ear effusions as detected by PCR. *J Clin Microbiol* 1995;33: 1835-8.
- 28-Casin I, Grimont F, Grimont P, editors. Deoxyribonucleic acid relatedness between *Haemophilus aegyptius* and *Haemophilus influenzae*. *Ann Inst Pasteur Microbiol* 1986;137b:155-63.
- 29-Hedegaard J, Okkels H, Bruun B, Kilian M, Mortensen KK, Nørskov-Lauritsen N. Phylogeny of the genus *Haemophilus* as determined by comparison of partial *infB* sequences. *Microbiology* 2001;147:2599-609.
- 30-Nørskov-Lauritsen N, Overballe MD, Kilian M. Delineation of the species *Haemophilus influenzae* by phenotype, multilocus sequence phylogeny, and detection of marker genes. *J bacterial* 2009;191:822-31.
- 31-Murphy TF, Brauer AL, Sethi S, Kilian M, Cai X, Lesse AJ. *Haemophilus haemolyticus*: a human respiratory tract commensal to be distinguished from *Haemophilus influenzae*. *J Infect Dis* 2007;195:81-9.



## Design of Polymerase Chain Reaction (PCR) Assay for Molecular Detection of Haemophilus Influenzae Bacterium

Taghinezhad S<sup>1</sup>, Soleimani M<sup>2\*</sup>, Mohseni A.H<sup>2</sup>, Majidzadeh K<sup>2</sup>

(Received: 14 Nov. 2010

Accepted: 16 Oct. 2011)

### Abstract

**Introduction:** Haemophilus influenza (H. influenza) is an important cause of meningitis in infants and children aged less than five years. For this reason the early diagnosis of this bacterium is important. Studies have shown that molecular methods are specific tests for early detection for this agent. The purpose of this study was to design a PCR assay for the rapid detection of H.influenzae bacterium.

**Materials & Methods:** In this study specific primers were designed based on omp6 gene and polymerase chain reaction (PCR) assay was setup. To create the standard positive control, the PCR product was cloned in pTZ57R/T vector. The existence of the desired gene in the T-vector was confirmed by digestion and sequencing processes. Sensitivity of the PCR assay was determined by preparing a serial tenfold dilutions of the positive

control plasmid with starting concentration of 11ng/μl. The Specificity of the assay was verified by using of PCR on the genomic DNA of a variety of bacteria.

**Findings:** PCR results showed a band of the expected size 280bp. Sensitivity results indicated that the limit of detection of the assay was 317 copy numbers. No amplification was observed after PCR in negative control bacteria genomic DNA. This outcome proved the specificity of the PCR assay.

**Discussion & Conclusion:** The results of this study showed that the PCR assay is a rapid, highly sensitive and specific test for detection of H.influenzae bacterium.

**Keywords:** haemophilus influenzae, rapid detection, PCR

1. Dept of Microbiology, Faculty of science, Islamic Azad University, Qom branch, Qom, Iran

2. Tasnim Biotechnology of Research Center, Faculty of Medicine, AJA University of Medical Science, Tehran, Iran

\* (corresponding author)